

MetaStat: una aplicación en R shiny para transformar datos en evidencia científica a través del meta-análisis

Suarez Franco¹[0000-0003-3179-2701], Filipigh Sebastian¹ and Bruno Cecilia^{1y2}[0000-0002-3674-7128]

¹ Estadística y Biometría. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba. Argentina

² Estadística y Biometría. Grupo Vinculado Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola INTA-CONICET. Córdoba. Argentina
suarezfranco@agro.unc.edu.ar

Resumen. Una revisión sistemática (RS) sintetiza la evidencia a partir de una pregunta de investigación mediante métodos exhaustivos para buscar, identificar, seleccionar, evaluar y extraer datos de estudios primarios publicados. El metaanálisis es una técnica estadística que combina los resultados cuantitativos de estos estudios para generar una estimación conjunta con un intervalo de confianza. El meta-análisis aumentan la potencia estadística, mejoran la precisión y responden preguntas que los estudios individuales no pueden abordar por falta de tamaño muestral. Junto con las RS, proporciona información valiosa para la toma de decisiones basada en evidencia. Realizar un meta-análisis requiere conocimientos en software estadístico, pero a menudo estos softwares carecen de interfaces amigables. Para solucionar esto, desarrollamos MetaStat, una aplicación basada en Shiny que facilita la ejecución de meta-análisis. MetaStat permite cargar, seleccionar modelos adecuados y ajustar modelos de efectos fijos o aleatorios, además de realizar análisis por subgrupos. Los resultados incluyen tablas de estimaciones, pruebas de heterogeneidad y gráficos descargables (forest plot, funnel plot, Baujat plot). MetaStat también permite ajustar meta-regresiones seleccionando una covariable. Disponible como aplicación de escritorio para Windows, en GitHub y en ShinyApps.io, esta herramienta mejora el acceso a meta-análisis con una interfaz intuitiva, disminuyendo la brecha ente el rigor estadístico y la obtención de información a través de los datos.

Palabras clave: Software Libre, Combinación Estadística, Herramientas para Tomar Decisiones.

MetaStat: an R shiny app for transforming data into scientific evidence through meta-analysis

Abstract. A systematic review (SR) synthesizes evidence from a research question using comprehensive methods to search, identify, select, evaluate, and extract data from published primary studies. Meta-analysis is a statistical method that combines quantitative results from primary studies addressing the same research question to generate a pooled estimate with a confidence interval. Metaanalyses enhance statistical power, improve precision, and answer questions

that individual studies cannot due to limited sample sizes. Combined with SR, they provide valuable insights for evidence-based decision-making. Performing a meta-analysis requires knowledge of statistical software, but this software often lack user-friendly interfaces. To address this, we developed MetaStat, an R Shiny application that simplifies meta-analysis use. MetaStat allows users to select data types (continuous or discrete), upload datasets, and choose appropriate meta-analysis models. It supports fixed/random effects models and subgroup analyses. Results include estimation tables, heterogeneity statistics, and diagnostic measures. The app also generates downloadable forest plots, funnel plots, and Baujat plots. Moreover, MetaStat enables meta-regression by selecting a covariate from the dataset. It is available as a standalone Windows application, via GitHub, or online at ShinyApps.io. This tool enhances accessibility to meta-analysis, bridging the gap between statistical rigor and usability.

Keywords: Open-source Software, Statistical Combination, Decision support tools

Introducción

Una revisión sistemática (RS) sintetiza la evidencia que surge desde una pregunta de investigación utilizando métodos exhaustivos para buscar, identificar, seleccionar, evaluar, y extraer datos desde estudios primarios ya publicados. El meta-análisis es el método estadístico que combina los resultados cuantitativos de los estudios primarios que abordan la misma pregunta de investigación para generar una estimación combinada del efecto global, que refleja la media ponderada de los estudios primarios incluidos, otorgando una medida de confiabilidad de la estimación a través de un intervalo de confianza (IC) para la estimación realizada. El meta-análisis puede aumentar la potencia estadística, mejorar la precisión y responder preguntas que los ensayos individuales no pueden abordar por falta de potencia. La RS combinada con el meta-análisis brinda información valiosa y facilita el proceso de toma de decisión basada en evidencia científica (Zhai y Guyatt, 2024). El meta-análisis es útil para proporcionar una única estimación que evidencie la magnitud del efecto estudiado (Allami et al., 2021). Comprender cómo realizar un meta-análisis ayuda al proceso de toma de decisiones a los investigadores. Existen programas de software estadísticos como SAS (SAS Institute Inc. 2023.), R (R Core Team, 2024), STATA (StataCorp., 2015), SPSS (IBM Corp., 2017) y las calculadoras Cochrane (RevMan, 2025) que permiten realizar meta-análisis. Sin embargo, los investigadores deben considerar algún software auxiliar si requieren análisis adicionales, como meta-regresiones y gráficos de redes (Tantry et al., 2021). En R, los paquetes *{meta}* (Balduzzi et al., 2019) y *{metafor}* (Viechtbauer, 2010) proporcionan diversas funciones para la realización de meta-análisis. Si bien son ampliamente utilizados en el ámbito de la investigación, no disponen de una interfaz gráfica de usuario (GUI) y su aplicación puede ser limitada al requerir destreza en la escritura de códigos de programación. Esto representa una barrera para aquellos usuarios que no cuentan con el tiempo o los recursos necesarios para aprender a programar. Atendiendo esta necesidad hemos desarrollado MetaStat: una aplicación que combina las capacidades analíticas del entorno R y la facilidad de uso de la interfaz de usuario. Para ello utilizamos el paquete *{shiny}* (Chang et. al 2024) de R que facilita la creación de aplicaciones web basadas en Java. MetaStat fue

desarrollada con herramientas de código abierto usando principalmente los paquetes: *{shiny}*, *{meta}*, y *{metafor}*. La aplicación puede utilizarse de diversas maneras, mediante una aplicación de escritorio independiente, disponible solamente para sistemas operativos Windows (Zarathucorp, 2025), utilizando el software R, RStudio junto con la versión de desarrollo desde GitHub (<https://github.com/FrancoMSuarez/MetaStats>), utilizando la plataforma shinyapps.io (<https://francosuarez.shinyapps.io/metastats/>).

Funcionalidad de MetaStat

Al abrir la aplicación, el usuario debe seleccionar el tipo de variable a analizar (continuas o discretas). En una segunda sección, el usuario debe cargar un archivo de datos. MetaStat admite extensión .txt, .xlsx o .csv. A continuación, tendrá opciones de separadores de columnas y decimales para la correcta lectura de los datos. El usuario podrá visualizar su archivo de datos como se muestra en la Figura 1. El archivo de datos debe contener una fila de encabezado con los nombres de las variables, y cada fila debe representar un estudio o entrada individual. Es obligatorio que el archivo incluya una columna con el nombre de los autores, otra con el año del estudio, o una columna combinada que contenga ambos (por ejemplo: "Suarez *et al.*, 2025"). Además, deben estar presentes las variables numéricas o categóricas que serán objeto del análisis. Las variables continuas deben estar en formato numérico, y las discretas pueden estar codificadas como texto o factores. Los valores faltantes pueden indicarse con NA o dejarse en blanco. Como ejemplo de uso, se cargó una base de datos construida por Rossi et al. (2019), quienes recopilaron información de estudios primarios que reportan loci de caracteres cuantitativos (QTL) en maíz (*Zea mays*). El objetivo del meta-análisis fue identificar QTL de efecto principal para la resistencia a enfermedades fúngicas y virales. Para cada estudio se registraron valores número total QTL en el cromosoma, el número total QTL en el resto del genoma, el número de QTL de efecto mayor en el cromosoma estudiado y el número QTL de efecto mayor en el resto del genoma.

Study	author	year	Ne	Ee	Nc	Ec	Enfermedad
1 Agrama_2009	Agrama	2009	2	2	1	1	HONGO
2 Balin-Kurti_Carson_2006	Balin-Kurti_Carson	2006	2	0	8	0	HONGO
3 Balin-Kurti_2006	Balin-Kurti	2006	1	0	6	3	HONGO
4 Balin-Kurti_2007	Balin-Kurti	2007	5	0	16	1	HONGO
5 Balin-Kurti_2008_b	Balin-Kurti	2008b	1	0	5	0	HONGO
6 Balin-Kurti_2010	Balin-Kurti	2010	1	0	5	0	HONGO
7 Baumgarten_2007	Baumgarten	2007	3	3	19	16	HONGO
8 Berger_2014	Berger	2014	1	0	11	3	HONGO
9 Bonamico_2012	Bonamico	2012	7	1	11	3	VIRUS
10 Bonamico_2013	Bonamico	2013	2	0	5	0	VIRUS

Fig. 1. Visualización del archivo cargado por el usuario en la aplicación MetaStat, con las opciones seleccionadas en el panel izquierdo. Se cargó una base de ejemplo en formato .txt, se le incluyeron los encabezados, las columnas separadas por tabuladores y el separador decimal fue punto. Base de datos de ejemplo donde recopilaron estudios primarios que reportaban la

presencia de loci de caracteres cuantitativos (QTL) para resistencia a hongos y virus en maíz (Rossi et al., 2019). Ne es número total QTL en el cromosoma, Nc el número total QTL en el resto del genoma, Ee es la cantidad de QTL de efecto mayor en el cromosoma estudiado y Ec es la cantidad de QTL de efecto mayor en el resto del genoma.

Posteriormente, el usuario podrá seleccionar el modelo más conveniente según el tipo de variable identificada anteriormente. Los modelos de meta-análisis disponibles para variables continuas son: cociente de medias, correlaciones, diferencias de medias, diferencias de medias estandarizadas y estimación para una media. En el caso de variables discretas, los modelos de meta-análisis disponibles son: cociente de chance, la transformación de arcoseno, diferencia de riesgo, una proporción y riesgo relativo. Una vez seleccionado el modelo, se deberán seleccionar las variables de cada modelo a través de una lista desplegable que contiene los nombres de las columnas de la base de datos cargada. Además, se deberá seleccionar un modelo de efectos fijos o un modelo de efectos aleatorios. MetaStat posee la opción de realizar el meta-análisis por subgrupos, indicando la variable que contiene la información. También posee opciones de métodos de estimación de la heterogeneidad entre estudios o entre subgrupos.

Una vez ajustado el modelo, el usuario podrá visualizar los resultados organizados en seis tablas, si es un modelo sin sub grupos: 1-resultados de la estimación y su IC, valor del estadístico z, p-valor y la ponderación o peso de cada estudio, 2-cantidad de estudios incluidos en el meta-análisis, 3-valor de la estimación global, su intervalo de confianza y p-valor, 4-valores de las estimaciones que cuantifican la heterogeneidad entre los estudios (Tau^2 , H e I^2), 5-los resultados de la prueba de heterogeneidad y 6-método de estimación de la heterogeneidad. Si en el meta-análisis se incluyeron subgrupos se adicionan tres tablas de resultados a las mencionadas anteriormente: 7- los valores de la estimación, IC y el p-valor para cada subgrupo, 8- valores de heterogeneidad en cada subgrupo, 9- resultados de la prueba de diferencias de subgrupos. Luego de que se ajustó el modelo especificado, el usuario podrá obtener el gráfico forestplot. MetaStat también provee los gráficos baujatplot y funnelplot. Los tres gráficos pueden descargarse en formato de imagen con la extensión .png. MetaStat brinda la posibilidad de ajustar una meta-regresión a partir del meta-análisis realizado, seleccionando la pestaña denominada meta-regresión y seleccionando allí la columna de la base de datos que contiene la covariable. Los resultados de la meta-regresión se presentan en la ventana de Resultados y presenta medidas diagnóstico para el modelo como logLik, deviance, AIC, BIC, AICc, cuantificación de la heterogeneidad, Test de la heterogeneidad residual y los coeficientes de la meta-regresión.

Referencias

- Allami, Y., Hodgins, D. C., Young, M., Brunelle, N., Currie, S., Dufour, M., Flores-Pajot, M. C., & Nadeau, L. (2021). A meta-analysis of problem gambling risk factors in the general adult population. *Addiction*, 116(11), 2968–2977. <https://doi.org/10.1111/ADD.15449>
- Balduzzi, S., Rücker, G., & Schwarzer, G. (2019). How to perform a meta-analysis with R: a practical tutorial. *Evidence-Based Mental Health*, 22(4), 153–160. <https://doi.org/10.1136/EBMENTAL-2019-300117>
- Chang, W., Cheng, J., Allaire, J. J., Sievert, C., Schloerke, B., Xie, Y., Allen, J., McPherson, J., Dipert, A., & Borges, B. (2024). shiny: Web Application Framework for R. R package. <https://cran.r-project.org/package=shiny>
- IBM Corp., 2017 IBM SPSS Statistics for Windows, IBM Corp., 2017. Disponible en <https://hadoop.apache.org>.

- R Core Team. (2024). R: A language and environment for statistical computing. In R Foundation for Statistical Computing. <https://www.r-project.org/>
- RevMan. (2025). Calculator | Cochrane Training. (n.d.). from <https://training.cochrane.org/resource/revman-calculator>
- Rossi, E. A., Ruiz, M., Rueda Calderón, M. A., Bruno, C. I., Bonamico, N. C., & Balzarini, M. G. (2019). Meta-Analysis of QTL Studies for Resistance to Fungi and Viruses in Maize. *Crop Science*, 59(1), 125–139. <https://doi.org/10.2135/CROPSCI2018.05.0330>
- StataCorp. (2015). Stata Statistical Software: Release 14. StataCorp LP
- Tantry, T. P., Karanth, H., Shetty, P. K., & Kadam, D. (2021). Self-learning software tools for data analysis in meta-analysis. *Korean Journal of Anesthesiology*, 74(5), 459–461. <https://doi.org/10.4097/KJA.21080>
- Viechtbauer, W. (2010). Conducting Meta-Analyses in R with the metafor Package. *Journal of Statistical Software*, 36(3), 1–48. <https://doi.org/10.18637/JSS.V036.I03>
- Zarathucorp (2025). zarathucorp/shiny-electron-template-windows: Template repository for build Standalone R Shiny application with Electron. (n.d.). 5 from <https://github.com/zarathucorp/shiny-electron-template-windows>
- Zhai, C., & Guyatt, G. (2024). Fixed-effect and random-effects models in meta-analysis. *Chinese Medical Journal*, 137(1), 1–4. <https://doi.org/10.1097/CM9.0000000000002814>